

РИСКИ РАЗВИТИЯ ЗАБОЛЕВАНИЙ И ОТБОР ДЕТЕЙ ДЛЯ ЗАНЯТИЙ ПРОФЕССИОНАЛЬНЫМ СПОРТОМ

Ю.Н. Деркач¹, Е.Г. Каллаур¹, О.В. Максимук¹, В.Н. Розанов¹, Т.Г. Вербицкая²

¹Полесский государственный университет, derkach_un@tut.by,

²Одесский государственный медицинский университет

Исследования последних лет в области молекулярной диагностики человека свидетельствуют о решающем вкладе наследственных факторов в формирование предрасположенностей к развитию заболеваний, видам деятельности, в том числе развитию и проявлению физических качеств.

Изучение молекулярно-генетических маркеров риска развития различных заболеваний является одной из важнейших задач современной медицины. Доказано, что генетический полиморфизм определяет наследственную предрасположенность к множеству мультифакториальных заболеваний. Среди них инфекционные, аллергические, метаболические заболевания костной ткани и др. Известны генотоксические свойства различных типов наночастиц и их роль в патогенезе различных заболеваний, в том числе частых респираторных заболеваний у детей раннего возраста. Многочисленные молекулярно-генетические исследования, сочетающие в себе возможности методов кандидатного и позиционного картирования, позволили локализовать гены цитокинов, медиаторов воспаления и их рецепторов, а также гены, кодирующие ферменты системы биотрансформации. Которые участвуют в метаболизме ксенобиотиков и эндогенных субстратов (серотонин, дофамин, арахидоновая кислота, лейкотриены и др.). Что во многом определяет степень воспалительной реакции. Степень повреждения тканей определяется эффективностью работы антиоксидантной системы или системы биотрансформации (гены цитохрома P450, GST, MDR).

Принимая во внимание структуру первичной заболеваемости детей, в которой первое место занимают болезни органов дыхания (около 70%), с высокой долей (более 30%) часто и длительно болеющих детей (ЧДБ), мы изучили особенности распределения аллельных вариантов генов, кодирующих ферменты фазы 1 (CYP1A1, CYP1A2) и фазы 2 (NAT2, GSTM1, GSTT1) детоксикации ксенобиотиков у детей, относящихся к группе ЧДБ, и детей имевших не более 3 эпизодов респираторной инфекции в год (контрольная группа).

Методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) исследованы частоты полиморфных аллелей генов CYP1A1, CYP1A2, NAT2, GSTM1, GSTT1 у детей группы ЧДБ и контрольной группы.

Анализ частот полиморфных аллелей, кодирующих ферменты 1 фазы детоксикации ксенобиотиков, аллельных вариантов генов, кодирующих ферменты 2 фазы детоксикации, а также суммарный анализ сочетаний генотипов по генам GSTM1, GSTT1, NAT2 позволил у детей группы ЧДБ выявить достоверное повышение частоты гомозигот по нулевому аллелю гена GSTT1. Причем среди детей этой группы индивидуумы с генотипом GSTM1 O/O, NAT2 S/S встречались почти в 3 раза чаще, чем в группе контроля (33.8 и 12.8% соответственно, $\chi^2 = 5.34$, $p < 0.05$). Риск частых ОРЗ у детей с таким генотипом возрастал в 3.5 раза. Сходная ассоциация выявлена и в отношении комплекса нулевых аллелей генов GSTM1 и GSTT1. Доля гомозигот по нулевым аллелям этих генов среди детей группы ЧДБ оказалась в 4 раза больше в сравнении с контролем (21.6% и 5% соответственно, $\chi^2 = 5.93$, $p < 0.05$). Риск частых ОРЗ при таком сочетании генотипов увеличился в 5.6 раза ($C1 >_{5\%} = 1.4-22.62$). Риск частых ОРЗ у детей с генотипом GSTT1 O/O, NAT2 S/S повышен в 9.7 раза ($C1 >_{5\%} = 1.71-54.60$). Частота встречаемости в позициях 282, 481, 803 гена NAT2 у детей группы ЧДБ и контрольной группы детей достоверно не различаются ($p > 0.01$). Генетический полиморфизм гена NAT2 в позициях 341, 590 определяется как значительное преобладание частоты встречаемости однонуклеотидных замен в группе ЧДБ по отношению к контрольной группе детей ($p > 0.3$).

Таким образом, изученные полиморфные варианты генов могут модулировать риск развития болезней легких у детей, проживающих на территории Брестской области. Дальнейший анализ полиморфизма данных генов поможет выработать критерии оценки риска развития заболеваний бронхолегочной системы. Использовать их в качестве прогностического теста для оценки риска развития болезней легких у детей и формирования противо-

показаний у таких детей к занятию профессиональным спортом даже при выявлении предрасположенности к определенной физической деятельности (ранее проведенные исследования).

Внедрение полученных результатов приведет к максимально эффективному скринингу спортсменов, снижая материальные затраты на подготовку неперспективных спортсменов.